媒介生物学与媒介昆虫

邹　振, 康　乐*

(中国科学院动物研究所, 农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室, 北京 100101)

摘要: 媒介生物学是当今迅速发展的一门学科,其中媒介昆虫是其重要的研究对象。本文综述了媒介生物学与媒介昆虫相关研究进展,包括研究背景和意义,国内外研究历史和现状,提出了需进一步开展研究的重点领域,旨在提供媒介生物学与媒介昆虫研究领域的信息,促进该领域的研究和技术开发,提升媒介生物及其传播疾病的控制水平。

关键词: 媒介生物学; 媒介昆虫; 病毒; 媒介疾病; 预防与控制

中图分类号: Q965　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 0454-6296(2018)01-0001-10

Vector biology and vector insects

ZOU Zhen, KANG Le* (State Key Laboratory of Integrated Management of Pest Insects and Rodents, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China)

Abstract: Vector biology is a rapidly developing branch of life science, and vector insects of medical and agricultural importance are important research targets. This article reviews the research progress in vector biology and vector insects, including the research background and significance, and research history and current status worldwide, and proposes the key areas and questions for further research, aiming to provide a basic information frame in vector biology and vector insects, to promote the research and technology development in the field, and to enhance the control level of vector organisms and vector-borne diseases.

Key words: Vector biology; vector insects; virus; vector-borne disease; prevention and control

1　研究背景及意义

媒介生物是指一类本身不发病,却能在宿主之间传播病原的生物。媒介生物以节肢动物为主,主要通过吸血或者刺吸行为传播病原,宿主包括人类、动物和植物,如传播登革病毒的埃及伊蚊 *Aedes aegypti* 和传播水稻条纹病毒(*Rice stripe virus*, RSV)的灰飞虱 *Laodelphax striatellus* 等。媒介生物学是指研究这些生物、传播相关疾病的机理和条件及相应的控制措施的科学,主要内容包括媒介生物的分类鉴定、生态习性、传播机理和防治原理及方法等(刘起勇和吴海霞, 2008)。

世界半数以上人口面临罹患媒介传播疾病的风险,每年有10亿多人感染媒介疾病,100多万人死亡。全球每年媒介传播作物病害导致的农业生产损失高达600亿美元,给粮食安全带来极大风险。近年来,随着全球性气候变化、生态环境改变、全球贸易与人口流动加速、农业生产模式的改变、迅速无计划的城市化以及杀虫剂抗性等因素,媒介生物分布范围不断扩大,甚至一些之前已经消除的媒介生物死灰复燃,媒介传播疾病日益严重。进入21世纪,西尼罗病毒(West Nile virus, WNV)、登革病毒和寨卡病毒(Zika virus)的全球扩散,给媒介生物和媒介传播疾病的控制敲响了警钟。重要的医学媒介生物有蚊、蜱、蝇、沙蝇、跳蚤、锥蝽和一些淡水螺等,重要植物病原的媒介生物有蚜虫、飞虱、叶蝉、蝽蟓、粉虱、蓟马、粉蚧等(Rozendaal, 1997)。

基金项目: 媒介生物学发展战略研究(国家自然科学基金委项目号: L1524099; 中国科学院项目号: 2015-SM-C-02)

作者简介: 邹振, 男, 1975年5月生, 江苏盐城人, 博士, 主要研究方向为昆虫免疫与发育, E-mail: zouzhen@ioz.ac.cn

* 通讯作者 Corresponding author, E-mail: lkang@ioz.ac.cn

收稿日期 Received: 2017-11-03; 接受日期 Accepted: 2018-01-16

我国人口众多、幅员辽阔、对外交往频繁，面临着严重的本土媒介传播疾病负担和巨大输入风险，如登革热、疟疾、基孔肯雅热（Chikungunya fever）、肾综合征出血热（Hemorrhagic fever with venal syndrone, HFRS）等（内部资料）。近年来，我国媒介传播疾病频繁暴发，呈现出输入风险增加、部分疫情反弹和新发传染病不断出现的特点，防控形势异常严峻（刘起勇等，2016）。2013 年云南西双版纳州发生登革热流行，2014 年广东省暴发登革热，肾综合征出血热患病数居高不下，发热伴血小板综合征在 16 个省市出现病例。这些媒传疾病严重影响我国人民的健康。昆虫传播的植物病毒病害约占整个植物病毒病的 80%（Hohn, 2007），对农业和林业生产带来巨大威胁。

中国经济的发展离不开全球化，伴随着亚投行的建立和“一带一路”规划的提出，全球化进入新的阶段。与此同时，媒介传播疾病的传播也呈现全球化趋势。我国“一带一路”规划沿途地区，如东南亚、南亚、中东和非洲都是媒介传播疾病高发的地区。有些疾病如疟疾虽然在我国已经基本消失，但是在非洲每年还会夺取几十万人的生命。因此，开展媒介生物学研究、加强媒介生物防控是保障我国人民健康、实现“健康中国 2030”所定“主要健康危险因素得到有效控制，消除一批重大疾病危害”的关键。

2 国际研究历史、研究内容及重要进展

早期的媒介生物学领域重点关注疟疾等全世界广泛传播的少数媒介传播疾病的暴发、流行病学研究和重要媒介的控制（Macdonald, 1957）。20 世纪 40 年代杀虫剂 DDT 问世，这是控制媒传疾病的一次重大突破，到了 20 世纪 50 年代和 60 年代早期，许多国家试图通过大规模应用 DDT 来控制或根除最重要的媒介昆虫从而达到控制疾病的目的（Rozendaal, 1997）。20 世纪 70 至 80 年代，国际媒介生物学领域逐步借鉴遗传分析工具开展研究，利用 PCR 方法识别出非洲疟疾的主要媒介——冈比亚按蚊 *Anopheles gambiae* 的种类（Scott *et al.*, 1993）。20 世纪 90 年代，粉虱作为病毒媒介和害虫开始被科学家们所关注（Brown *et al.*, 1995）。也有学者关注蚜虫对世界作物的影响，重点在蚜虫的分类学与传播的病毒种类方面（Blackman and Eastop, 2000）。20 世纪末开始，登革热再次流行。Gubler（1998）分析了登革热再次出现和流行的原因，分析了其致病机理、监测预防与控制措施，提出了热带地区需要制定和实施可持续的预防与控制计划。登革热直到现在还是继疟疾之后重要的热带传染病，流行趋势越来越严重。

21 世纪初的前 10 年，媒介生物学领域快速发展，学科结构基本形成，在下面几方面的研究都取得重要进展：（1）重要媒介及传播疾病监测与流行病学研究。研究人员持续开展蚊媒传播及其相关疾病（如疟疾、登革热等的全球负担）暴发的流行病学研究。同时，开始监测新兴媒传疾病，分析了新兴传染病的全球负担以及新兴传染病流行的生物学（遗传变异）、社会经济、环境与生态因素（Jones *et al.*, 2008）。（2）媒介生物基因组学与遗传学研究。目前，已有 40 多种媒介生物的基因组被测序或部分测序，其中蚊虫 26 种（https://www.vectorbase.org/organisms）。特别是冈比亚按蚊（Aultman *et al.*, 2002）、埃及伊蚊（Nene *et al.*, 2007）和豌豆长管蚜 *Acyrthosiphon pisum*（Consortium, 2010）等基因组的解析有力地推动了媒介昆虫发育和变态、杀虫抗性分子机制、媒介昆虫的传病机制和媒介昆虫控制技术等方面的研究。目前，已有约 200 种蚊虫的线粒体基因组被测序，这些线粒体基因组在蚊科昆虫的系统发育和进化研究上起到了重要作用（Hao *et al.*, 2017; Foster *et al.*, 2017）。（3）媒介生物对杀虫剂的抗性。2000 年开始，研究人员开始从基因、分子水平探索媒介昆虫的杀虫剂抗性问题。Hemingway 等（2004）研究了蚊虫杀虫剂抗性的分子基础，揭示了蚊虫杀虫剂抗性代谢或靶标位点变化。Amer 和 Mehlhorn（2006）从 41 种植物中提取精油作为天然杀虫剂来杀灭蚊虫幼虫，并测试了灭蚊的最佳剂量。（4）媒介昆虫的生物防控。Baumann（2005）研究了吸食汁液昆虫与其内生共生菌之间相互作用。2008 年起，关注点变为重要媒介昆虫的共生菌 *Wolbachia* 及其在抗病毒中的作用（Moreira *et al.*, 2009）。2010 年以后，利用 *Wolbachia* 控制伊蚊从研究转化到实践阶段，并探索用印楝饼抗击蚊传疾病（Benelli *et al.*, 2015）。

2011 年以来国际媒介生物学领域的研究取得新进展，包括：（1）媒介生物分类学和进化生物学研究。Harbach（2013）整理了世界蚊科名录，包括 2 亚科，112 属，3 536 种。Foster 等（2017）基于 191 种蚊虫线粒体基因组，通过 13 个蛋白质编码基因的氨基酸序列，分析了按蚊亚科 3 个属及按蚊属 6 个亚

属的系统发育关系。Morgan 等(2011)比较研究了东南亚 9 个按蚊种的历史生物地理学,揭示了环境变化对遗传变化的影响。(2)媒介生物遗传与生理生化研究。从组学水平研究了宿主免疫与病原体的互作,发现蚊虫免疫基因的数目大为扩增,多种免疫分子和共生菌参与抗疟原虫的免疫反应(Zou *et al*., 2010, 2011; Bian *et al*., 2013a)。(3)媒介生物及相关传染病监测、风险评估和预警。国际媒介传播疾病风险评估以定量为主,克服了定性研究的缺陷。(4)媒介传播疾病的机制及流行病学研究。主要在蚊传寨卡病毒、蜱传立克次体病原体及其他新兴传染病的传播机制与流行病学研究(郑爱华等, 2016; de la Fuente *et al*., 2016)。(5)环境/气候变化对媒介生物及媒介传播疾病的影响。Monaghan 等(2015)预测了 2025 – 2080 年气候变化对美国莱姆病年度发生情况的影响。Sgrò 等(2016)研究了昆虫适应气候变化的可塑性应答机制。(6)媒介传播疾病控制。Capeding 等(2014)开发了一个新的四价登革热疫苗,安全性好,接种可减少感染发生率。Bellinger 等(2016)开发出了口服超长效药物输送系统,旨在开发出长效的疟疾治疗药物。(7)媒介昆虫生物防控及抗药性研究。目前在研的新型控蚊技术包括激素调控、真菌、沃尔巴克氏体(*Wolbachia*)、植物源杀虫剂、金属纳米颗粒和 CRISPR-Cas9 技术等(Zou *et al*., 2013; Pavela, 2015; Jaber *et al*., 2016; Chandramohan *et al*., 2016; Adelman *et al*., 2016)

由于媒介传播的新兴与传统传染病仍将备受关注,媒介生物学领域未来仍将快速发展。该领域将与流行病学、寄生虫学、昆虫学、行为学与生态学等相关学科进一步加强合作,融合发展,以便更好地控制媒介和媒传疾病(Benelli, 2015),具体表现在:(1)新一代测序技术的应用将推动媒介生物组学快速发展;(2)媒介生物及相关疾病监测、风险评估及预警技术将创新发展;(3)媒介生物快速鉴定与分析技术将快速发展;(4)将出现更多环境友好型新杀虫剂;(5)媒介生物的生物控制新技术将快速发展。目前各国布局的重点是:(1)重要媒介生物的致病机理,重要媒传疾病的监测与流行病学研究;(2)重要媒介传播疾病的防控,如疫苗、诊断与治疗产品开发;(3)重要媒介生物(如蚊媒)的监测与防控;(4)生态环境、气候变化对媒介生物的影响,进而影响媒介传播疾病的发生与传播。

3　中国相关研究现状及重要进展

我国媒介生物控制起源于 20 世纪 50 年代初的"除四害",到 20 世纪 70 年代末媒介生物的控制主要沿用民间办法,科技含量较低,未形成真正的学科。20 世纪 80 年代开始,我国媒介生物学领域的相关研究逐步加强。2011 年以后,疟疾、登革热等传统媒介传播疾病持续发生,再加上埃博拉、寨卡病毒感染等新兴媒传疾病发生,我国进一步重视媒介生物的控制、媒介传播疾病的重要性。同时,国家也加大了对植物媒介及相关疾病的资助。近年来,我国媒介生物学领域取得重要进展(王燕红等, 2017),主要体现在如下几个方面:

(1)媒介生物组学和生理生化研究。近年来,随着高通量测序等技术的快速发展,我国学者在媒介昆虫基因组学、转录组学、小 RNA 组学等领域的研究取得了重要进展。先后测序和分析了了中华按蚊 *Anopheles sinensis* 和白纹伊蚊 *Aedes albopictus* 基因组(Zhou *et al*., 2014; Chen Q *et al*., 2015)。Liu YQ 等(2015)和 Liu JY(2016)鉴定和研究了白纹伊蚊与Ⅱ型登革热病毒感染相关的小 RNA 和 mRNA。陈斌团队进一步深入测序和研究了中华按蚊基因组和转录组(Chen *et al*., 2014; Fang *et al*., 2018),鉴定了 23 种蚊虫的小 RNA 并研究了它们的进化(Wang XT *et al*., 待发表);以中华按蚊为模式种系统地研究了与溴氰菊酯杀虫剂相关的基因和进化(He *at al*., 2016; Mei *et al*., 2018; Liu *et al*., 2018; Wang TT *et al*., 2018)、遗传变异和分子机制(Zhong *et al*., 2013; Wu *etal*., 2018; Yan *et al*., 2018);研究表明酪氨酸羟化酶和 Laccase 2 基因是中华按蚊表皮黑化和免疫的重要基因(Qiao *et al*., 2016; Du *et al*., 2017)。传播植物病毒的蚜虫、飞虱、粉虱类的基因组也相继测序完成(International Aphid Genomics Consortium, 2010; Xue *et al*., 2014; Nicholson *et al*., 2015; Chen *et al*., 2016; Mathers *et al*., 2016; Wenger *et al*., 2017; Wang *et al*., 2017; Zhu *et al*., 2017; Xie *et al*., 2017)。

(2)媒介生物生理生化研究。邹振团队以埃及伊蚊为模式种研究了碳水化合物代谢的分子调控(Hou *et al*., 2015)、抵御病原体侵染的天然免疫系统反应(王燕红等, 2013; Wang *et al*., 2015)。周金林团队在硬蜱 *Rhipicephalus hemaphysaloides* 中发现 Rhipilin-2 是一种新型的丝氨酸蛋白酶抑制剂(Cao

et al., 2013）。李斌团队研究发现体虱的 GPCR 家族比豌豆长管蚜和黑腹果蝇 *Drosophila melanogaster* 包含更完整的神经肽和蛋白激素受体（Li C *et al.*, 2014）；Zhao 等（2016）首次鉴定出灰飞虱带毒前后的两个病毒复制关键部位；Ma 等（2013）建立了灰飞虱的细胞系，发现水稻条纹病毒 ns3 蛋白可能参与了病毒的复制和装配；崔峰研究组发现水稻条纹病毒（RSV）通过激活媒介昆虫灰飞虱的 JNK 信号通路实现成功复制的分子机制（Wang *et al.*, 2017）；发现昆虫源与植物源的 RSV 存在很大的异质性，只有昆虫源的病毒能够抑制水稻光合系统相关基因的表达，破坏叶绿体结构，引起典型的条纹病症（Zhao *et al.*, 2016a）；灰飞虱的唾液腺和消化道对 RSV 侵染有截然不同的分子响应（Zhao *et al.*, 2016b）。梁国栋团队研究表明库蚊黄病毒在我国广有分布，种群间有地域差异，并从致倦库蚊里分离了一株病毒 SDDM06-11（Wang *et al.*, 2012；Liang *et al.*, 2015）；程功团队在埃及伊蚊体内发现了 9 种可以与登革病毒 E 蛋白结合的识别半乳糖的钙离子依赖型凝集素，这些凝集素可以辅助病毒入侵埃及伊蚊，提出了一种新型抗登革热传播阻断疫苗策略（Liu *et al.*, 2014），发现 NS1 蛋白可以特异地抑制蚊虫的中肠免疫，从而增强登革热病毒的感染（Liu JY *et al.*, 2016）。

（3）媒介生物分类学和进化生物学研究。赵彤言团队研究了 92 个种的 *CO* Ⅰ 和 109 个种的 *CO* Ⅱ 序列，评价基于 DNA 条形码的中国蚊虫鉴定技术（Wang *et al.*, 2012；Wang *et al.*, 2017）。马雅军团队利用核糖体 ITS2、D3 和线粒体 CO Ⅱ 序列研究了按蚊属塞蚊亚属 21 种蚊虫的系统发育关系（吴静等, 2010；马雅军等, 2011）。陈斌团队建立了我国及东南亚蚊虫标本室，开展了分子分类和分布（Chen *et al.*, 2002, 2006）、基于线粒体基因组及核基因的系统发育和进化（Chen *et al.*, 2003；Hua *et al.*, 2016；Luo *et al.*, 2016；Hao *et al.*, 2017）、重要媒介蚊虫的种群遗传学（Chen *et al.*, 2004, 2011, 2012）、中缅边境地区蚊虫群落及在传病中的作用等研究（Yu *et al.*, 2013）。研究表明，目前全球共已知蚊虫 41 属 201 亚属 3 573 种，我国已知蚊虫 20 属 63 亚属 419 种（付文博和陈斌, 2018），由于隐存种（cryptic species）广泛存在，实际种数应是已定名种数的 3 ~ 5 倍（Harbach, 2007, 2013）。此外，还开展了植物疾病媒介分类鉴定研究，准新翅目昆虫的分类学、术语标准研究等（Bourgoin *et al.*, 2015）；探讨了烟粉虱 *Bemisia tabaci* 分类学与系统学中的问题（Liu *et al.*, 2012）。

（4）媒介传播疾病的分子机制研究。解析了寨卡病毒膜蛋白结构及其与黄病毒结合的复合物结构，结果表明 E 蛋白融合环簇代表了抗寨卡病毒治疗性抗体的潜在药物/靶标（Sanggaard *et al.*, 2014），有证据显示寨卡病毒感染与新生儿畸形有关（郑爱华等, 2016）。分析了 5 种 27 个埃博拉病毒株的全部糖蛋白基因，提出了埃博拉病毒演化历史的假设（Li and Chen, 2014）。研究表明蜱传立克次体病要比先前人们所意识到的更普遍，而且可能与全球对发烧病因的误诊相关（Jia *et al.*, 2013a, 2013b；Lu *et al.*, 2016）。水稻矮缩病毒（*Rice dwarf virus*, RDV）、水稻条纹病毒（RSV）和南方水稻黑条矮缩病毒（*Southern rice black-streaked dwarf virus*, SRBSDV）在上皮细胞内复制增殖后穿过基底膜到达肠道表面的肌肉细胞，随后沿着肌纤维扩散到整个消化管道表面，释放到血淋巴并扩散到唾液腺完成在媒介内的整个侵染循回过程（Jia *et al.*, 2012a, 2012b）。水稻条纹病毒的壳蛋白 Cp 可以与灰飞虱卵黄蛋白原 Vg 进行体内及体外互作，且可共定位于灰飞虱卵巢管的生殖区中，在病毒入卵过程中起重要作用（Huo *et al.*, 2014）。水稻矮缩病毒在黑尾叶蝉 *Nephotettix cincticeps* 中传播时，依赖一种由病毒编码的非结构蛋白 Pns10 所形成的特殊的"管子"，病毒可以通过"管子"穿越叶蝉肠道上皮细胞微绒毛，定向输送到临近的细胞中，而不是游离到细胞外。黑尾叶蝉胞质的肌动蛋白微丝可与病毒 Pns10 蛋白的特异性识别和互作，推测在"管子"与临近细胞融合的过程中发挥了关键作用（Chen Q *et al.*, 2015；Zhao *et al.*, 2016）。

（5）环境/气候变化对媒介生物及相关疾病的影响，及风险评估和预警。刘起勇团队发现气侯及环境变化可对当前媒介昆虫时空分布和种群动态产生影响，尖音库蚊 *Culex pipiens* 种团种群已在拉萨市稳定建立，未来当地以西尼罗热为代表的病媒传播疾病风险增加，从机制上解释了不同气象条件下白纹伊蚊的扩散趋势（Jia *et al.*, 2016）。中国疾病预防控制中心已于 2008 年开发并启动了国家传染病自动预警系统，该系统可以监测登革热、疟疾、乙脑、丝虫病及肾综合征出血热等病媒生物传播疾病。刘起勇团队运用时间序列的泊松回归模型，使用输入登革病例、本地最低气温和累计降水量为参数，建立了一个有效的登革流行预警体系（Sang *et al.*,

2015）。

（6）媒介生物抗药性监测及生物防治。中国疾病预防控制中心研究结果显示我国淡色库蚊 *Culex pipiens pallens*、致倦库蚊 *Cx. quinquefasciatus*、三带喙库蚊 *Cx. tritaeniorhynchus*、中华按蚊、白纹伊蚊和埃及伊蚊对多种杀虫剂都产生了抗药性，对溴氰菊酯普遍产生抗药性。2014 年启动了全国白纹伊蚊的抗药性监测系统，用于指导登革热疫情控制。从果蝇、伊蚊和库蚊体内提取出了沃尔巴克氏体并成功导入到白纹伊蚊和按蚊体内，建立了稳定的携带新型沃尔巴克氏体 *w*AlbB 的蚊株（Bian *et al*., 2013b）。第一批携带沃尔巴克氏体的白纹伊蚊已于 2015 年在广州投入，表明利用沃尔巴克氏体防治蚊虫进入现场实验阶段。万建民团队鉴定出了抗褐飞虱 *Nilaparvata lugens* 基因 *Bph*3，通过转基因或标记辅助选择策略将 *Bph*3 导入到易感病水稻品种中，其对褐飞虱和白背飞虱 *Sogatella furcifera* 的抗性显著增强。凝集素受体激酶基因共同作用，赋予广谱和持久的抗虫性，为培育抗虫水稻品种的分子育种提供了资源（Liu YQ *et al*., 2015）。

基于媒介昆虫学的重要性，《昆虫学报》组织了本期“医学媒介昆虫专辑”，含 14 篇研究论文，主要涉及下列几个方面：（1）蚊虫分类、区系和系统发育研究，包括：蚊科昆虫分类及区系研究历史和现状概述（付文博和陈斌，2018），中国库蚊属四十个种（亚种）的分子系统发育关系研究（双翅目：蚊科）（孙玲等，2018）；（2）蚊虫基因组学研究，包括：中华按蚊血红素过氧化物酶家族基因的全基因组鉴定、特征和进化（尹华春等，2018），骚扰阿蚊线粒体全基因组序列测定和分析（李旭东和陈斌，2018）；（3）植物源杀虫剂及其增效剂研究，包括：三十六种植物精油对淡色库蚊的熏蒸活性评价（陈伟等，2018），基于对淡色库蚊生物活性的植物源蚊香增效剂的筛选（张洁等，2018）；（4）杀虫剂抗性相关研究，包括：白纹伊蚊抗溴氰菊酯品系的筛选及其对登革病毒的易感性（贾志荣等，2018），我国白纹伊蚊对三种拟除虫菊酯类杀虫剂抗性检测诊断剂量的建立（高景鹏等，2018），中华按蚊气味结合蛋白 AsinOBP1 与避蚊胺（DEET）的结合特性分析（史宗晔等，2018）；（5）媒介蚊虫蛋白质结构生物学研究，包括：中华按蚊 α-羧酸酯酶 AsAe7 的异源表达、纯化与结晶（张甜甜等，2018），中华按蚊谷胱甘肽-S-转移酶 E6（AsGSTE6）的表达纯化与结晶（苗娅等，2018）；（6）媒介蚊虫免疫机制研究，包括：肽聚糖识别蛋白 AaPGRP-LC 参与埃及伊蚊的抗细菌免疫反应（杨青泰等，2018）；（7）其他基础和技术研究，包括：冈比亚按蚊犬尿氨酸甲酰胺酶抑制剂的虚拟筛选（宋帅葆等，2018），一株新的致倦库蚊细胞系的建立与鉴定（罗岚和崔峰，2018）。这些研究仅是我国媒介昆虫研究的一个缩影，旨在抛砖引玉，促进我国媒介昆虫的研究和防控。

4　展望和建议

针对我国媒介生物学研究现状，未来不仅需要加强基础研究，也需要重视相关技术研发、应用与推广。对我国媒介生物学领域提出如下建议：

（1）对重点媒介生物开展全面的生理生化机制研究，探索媒介传播疾病的普遍规律。重点围绕蚊、蜱、粉虱等媒介种类，开展遗传、行为、变态、生殖和免疫等生理与分子调控机制研究，并从病原-媒介-宿主整个传播链角度，充分认识病原在物种间传递信息和物质的机制，揭示网络调控中的关键节点。

（2）开展病毒-介体昆虫-宿主的互作研究，构建病毒互作研究平台。结合现阶段涌现的新技术和新方法，通过模式开展媒介昆虫与病毒互作、病毒与模式昆虫互作、昆虫细胞系建立等研究，发展基于基因组、转录组和蛋白组学基础以及基因和蛋白网络生物学技术，发现抗病毒通路及病毒与介体互作新机制的虫传病毒与介体昆虫和寄主植物互作模式体系，开拓病毒与介体互作研究新技术平台。

（3）选取具有中国特色的研究样本，创世界研究先例。借鉴模式生物传毒机制新成果围绕有关虫传病毒病成灾的关键科学问题。利用中国的地理优势，选取国外少有的虫传病毒，如水稻条纹病毒及其介体昆虫灰飞虱为主要对象系统开展虫传病毒病成灾基础生物学研究，并深入研究病毒与介体昆虫、宿主植物中的传播、装配以及致病机制，最终形成系统的、有特色的植物病毒学研究体系。

（4）加强媒介生物及媒介传播疾病的监测，完善监测体系。媒介生物及媒介传播疾病的持续监测对基础研究、评估和预警都至关重要。充分利用现代信息技术与先进工具，不断完善现有媒介生物和媒介传播疾病监测体系，使其覆盖面更广，监测频率增加，持续更大的时间跨度，获取更全面、准确的媒介生物种类分布、媒介传播疾病发生率等相关数据。在精准监测的基础上，开发新型、定量的媒介生物及相关疾病的风险评估与预警模型与技术，加速预警

体系的建立。

(5)加强媒介生物杀虫机抗性机制研究,开发环境友好型杀虫剂和防控技术。杀虫剂抗性被世界卫生组织认为是媒介生物控制的单一最大障碍。通过组学及现代分子生物学技术,加强媒介生物杀虫剂抗性分子机制研究,针对主要媒介生物研发杀虫剂抗性的分子检测技术,研发主要杀虫剂的增效剂及降低杀虫剂抗性增强的措施,加强杀虫剂抗性的监测。研发环境友好型杀虫剂,充分利用我国丰富的植物资源,开发植物源的高效和环保杀蚊剂,研发高效的媒介防控技术。

(6)加强媒介昆虫基础生物学研究。加强媒介昆虫分类学、种群遗传学和生物地理学研究,建立媒介昆虫的形态和分子鉴定标准,加强鉴定技术、方法与规程的标准化;研究主要媒介昆虫种内的地理遗传变异和基因漂移,及其对遗传控制和杀虫剂抗性扩散的影响;研究主要媒介昆虫历史地理扩散、种群大小变化及与气候变化的关系,研发主要媒介生物现有分布、可能的扩散和种群大小的信息和预测系统。只有少数昆虫传病,比如全球媒介蚊虫不超过200 种,主要集中在少数几个属,同一属不是所有种,同一种不是所有种群都传病,不同属种传播病原的种类差异很大。需要加强研究其吸取血液的能力和生殖特点,揭示媒介传播病原的生物学基础,从而有效地阻断新病原的发生与传播。

致谢 感谢中国科学院学部与国家自然科学基金委联合项目《中国学科发展战略:媒介生物学发展战略》的支持,感谢媒介生物学发展战略项目编写组前期工作和在本文撰写过程中给予的协助,重庆师范大学陈斌教授对文稿进行了修改和补充。

参考文献(References)

Adelman JS, Mayer C, Hawley DM, 2017. Infection reduces anti-predator behaviors in house finches. *J. Avian Biol.*, 48: 519 - 528.

Amer A, Mehlhorn H, 2006. Larvicidal effects of various essential oils against *Aedes*, *Anopheles*, and *Culex* larvae (Diptera, Culicidae). *Parasit. Res.*, 99(4): 466 - 472.

Aultman KS, Gottlieb M, Giovanni MY, Fauci AS, 2002. *Anopheles gambiae* genome: completing the malaria triad. *Science*, 298 (5591): 13.

Baumann P, 2005. Biology of bacteriocyte-associated endosymbionts of plant sap-sucking insects. *Annu. Rev. Microbiol.*, 59: 155 - 189.

Bellinger AM, Jafari M, Grant TM, Zhang S, Slater HC, Wenger EA, MoS, Lee YAL, MazdiyasniH, Kogan L, 2016. Oral, ultra-long-lasting drug delivery: application toward malaria elimination goals. *Sci. Transl. Med.*, 8(365): 365ra157.

Benelli G, 2015. Research in mosquito control: current challenges for a brighter future. *Parasitol. Res.*, 114(8): 2801 - 2805.

Benelli G, Murugan K, Panneerselvam C, Madhiyazhagan P, Conti B, Nicoletti M, 2015. Old ingredients for a new recipe? Neem cake, a low-cost botanical by-product in the fight against mosquito-borne diseases. *Parasitol. Res.*, 114(2): 391 - 397.

Bian G, Joshi D, Dong Y, Lu P, Zhou G, Pan X, Xu Y, Dimopoulos G, Xi Z, 2013a. *Wolbachia* invades *Anopheles stephensi* populations and induces refractoriness to *Plasmodium* infection. *Science*, 340 (6133): 748 - 751.

Bian G, Joshi D, Dong Y, Lu P, Zhou G, Pan X, Xu Y, Dimopoulos G, Xi Z, 2013b. *Wolbachia* invades *Anopheles stephensi* populations and induces refractoriness to *Plasmodium* infection. *Science*, 340 (6133): 748 - 751.

Blackman RL, Eastop VF, 2000. Aphids on the World's Crops: An Identification and Information Guide. John Wiley & Sons Inc., Chichester.

Bourgoin T, Wang RR, Asche M, Hoch H, Soulier-Perkins A, Stroiński A, Yap S, Szwedo J, 2015. Frommicropterism to hyperpterism: recognition strategy and standardized homology-driven terminology of the forewing venation patterns in planthoppers (Hemiptera: Fulgoromorpha). *Zoomorphology*, 134(1): 63 - 77.

Brown JK, Frohlich D, Rosell R, 1995. The sweet potato or silver leaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex? *Annu. Rev. Entomol.*, 40(1): 511 - 534.

Cao J, Shi L, Zhou Y, Gao X, Zhang H, Gong H, Zhou J, 2013. Characterization of a new kunitz-type serine protease inhibitor from the hard tick *Rhipicephalus hemaphysaloides*. *Arch. Insect Biochem. Physiol.*, 84(2): 104 - 113.

Capeding MR, Tran NH, Hadinegoro SRS, Ismail HIHM, Chotpitayasunondh T, Chua MN, Luong CQ, Rusmil K, Wirawan DN, Nallusamy R, 2014. Clinical efficacy and safety of a novel tetravalent dengue vaccine in healthy children in Asia: aphase 3, randomised, observer-masked, placebo-controlled trial. *Lancet*, 384 (9951): 1358 - 1365.

Chandramohan B, Murugan K, Panneerselvam C, Madhiyazhagan P, Chandirasekar R, Dinesh D, Kumar PM, Kovendan K, Suresh U, Subramaniam J, 2016. Characterization and mosquitocidal potential of neem cake-synthesized silver nanoparticles: genotoxicity and impact on predation efficiency of mosquito natural enemies. *Parasitol. Res.*, 115(3): 1015 - 1025.

Chen B, Butlin RK, Harbach RE, 2003. Molecular phylogenetics of the Oriental members of the Myzomyia Series of *Anopheles* subgenus *Cellia* (Diptera: Culicidae) inferred from nuclear and mitochondrial DNA sequences. *Syst. Entomol.*, 27: 57 - 69.

Chen B, Butlin RK, Petro PM, Wang XZ, Harbach RE, 2006. Molecular variation, systematics and distribution of the *Anopheles fluviatilis* complex (Diptera: Culicidae) in southern Asia. *Med. Vet. Entomol.*, 20: 33 - 43.

Chen B, Harbach RE, Butlin RK, 2002. Molecular and morphological studies on the *Anopheles minimus* group of mosquitoes in southern

China: taxonomic review, distribution and malaria vector status. *Med. Vet. Entomol.*, 16: 253 –265.

Chen B, Harbach RE, Butlin RK, 2004. Genetic variation and population structure of the mosquito *Anopheles jeyporiensis* in southern China. *Molec. Ecol.*, 13: 3051 –3056.

Chen B, Harbach RE, Walton C, He ZB, Butlin RK, 2012. Population genetics of the malaria vector *Anopheles aconitus* in China and Southeast Asia. *Infect. Genet. Evol.*, 12(8): 1958 –1967.

Chen B, Pedro MP, Harbach RE, Somboon P, Walton C, Butlin RK, 2011. Mitochondrial DNA variation in the malaria vector *Anopheles minimus* across China, Thailand and Vietnam: evolutionary hypothesis, population structure and population history. *Heredity*, 106: 241 –252.

Chen B, Zhang YJ, He ZB, Li WS, Si FL, Tang Y, He QY, Qiao L, Yan ZT, Fu WB, Che YF, 2014. *De novo* transcriptome sequencing and sequence analysis of the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Parasit. Vectors*, 7: 314.

Chen Q, Zhang L, Chen H, Xie L, Wei T, 2015. Nonstructural protein Pns4 of rice dwarf virus is essential for viral infection in its insect vector. *Virol. J.*, 12(1): 211.

Chen W, Hasegawa DK, Kaur N, Kliot A, Pinheiro PV, Luan J, Stensmyr MC, Zheng Y, Liu W, Sun H, Xu Y, Luo Y, Kruse A, Yang X, Kontsedalov S, Lebedev G, Fisher TW, Nelson DR, Hunter WB, Brown JK, Jander G, Cilia M, Douglas AE, Ghanim M, Simmons AM, Wintermantel WM, Ling KS, Fei Z, 2016. The draft genome of whitefly *Bemisia tabaci* MEAM1, a global crop pest, provides novel insights into virus transmission, host adaptation, and insecticide resistance. *BMC Biol.*, 14(1): 110 –124.

Chen W, Wu H, Ma ZQ, Feng JT, Zhang X, 2018. Evaluation of fumigation activity of thirty-six essential oils against *Culex pipiens pallens* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 86 –93. [陈伟, 吴华, 马志卿, 冯俊涛, 张兴, 2018. 三十六种植物精油对淡色库蚊的熏蒸活性评价. 昆虫学报, 61(1): 86 –93]

Consortium IAG, 2010. Genome sequence of the pea aphid *Acyrthosiphon pisum*. *PLoS Biol.*, 8(2): e1000313.

de la Fuente J, Estrada-Peña A, Cabezas-Cruz A, Kocan KM, 2016. *Anaplasma phagocytophilum* uses common strategies for infection of ticks and vertebrate hosts. *Trends Microbiol.*, 24(3): 173 –180.

Du MH, Yan ZW, Hao YJ, Yan ZT, Si FL, Chen B, Qiao L, 2017. Suppression of Laccase 2 severely impairs cuticle tanning and pathogen resistance during the pupal metamorphosis of *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Parasit. Vectors*, 10(1): 171.

Fang YJ, Yan ZT, Chen B, 2018. Sialotranscriptome sequencing and analysis of *Anopheles sinensis* and comparison with *Psorophora albipes* sialotranscriptome (Diptera: Culicidae). *Insect Sci.*, 23: 332 –334.

Foster PG, de Oliveira TMP, Bergo ES, Conn JE, Sant'na DC, Nagaki SS, Nihei S, Lamas CE, González C, Moreira CC, Sallum MAM, 2017. Phylogeny of Anophelinae using mitochondrial protein coding genes. *R. Soc. Open Sci.*, 4(11): 170758.

Fu WB, Chen B, 2018. Taxonomy and fauna of Culicidae: history and current knowledge. *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 122 –138. [付文博, 陈斌, 2018. 蚊科昆虫分类及区系研究历史和现状概述. 昆虫学报, 61(1): 122 –138]

Gao JP, Chen HM, Ma YJ, 2018. Establishment of diagnostic doses of three pyrethroid insecticides for detecting resistance in *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in China. *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 18 –24. [高景鹏, 陈翰明, 马雅军, 2018. 我国白纹伊蚊对三种拟除虫菊酯类杀虫剂抗性检测诊断剂量的建立. 昆虫学报, 61(1): 18 –24]

Gubler DJ, 1998. Dengue and dengue hemorrhagic fever. *Clin. Microbiol. Rev.*, 11(3): 480 –496.

Hao YJ, Zou YL, Ding YR, Xu WY, Yan ZT, Li XD, Fu WB, Li TJ, Chen B, 2017. Complete mitochondrial genomes of *Anopheles stephensi* and *An. dirus* and comparative evolutionary mitochondriomics of 50 mosquito mitogenomics. *Sci. Rep.*, 7(1): 7666.

Harbach RE, 2007. The Culicidae (Diptera): a review of taxonomy classification. *Zootaxa*, 1668: 591 –638.

Harbach RE, 2013. Mosquito Taxonomic Inventory. Available at: www.mosquito-taxonomic-inventory.info/.

He X, He ZB, Zhang YJ, Zhou Y, Xian PJ, Qiao L, Chen B, 2016. Genome-wide identification and characterization of odorant-binding proteins of genes in the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Insect Sci.*, 23(3): 366 –376.

Hemingway J, Hawkes NJ, McCarroll L, Ranson H, 2004. The molecular basis of insecticide resistance in mosquitoes. *Insect Biochem. Molec. Biol.*, 34(7): 653 –665.

Hohn T, 2007. Plant virus transmission from the insect point of view. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 104(46): 17905 –17906.

Hou Y, Wang XL, Saha TT, Roy S, Zhao B, Raikhel AS, Zou Z, 2015. Temporal coordination of carbohydrate metabolism during mosquito reproduction. *PLoS Genet.*, 11(7): e1005309.

Hua YQ, Yan ZT, Fu WB, He QY, Zhou Y, Chen B, 2016. Sequencing and analysis of the complete mitogenome in *Anopheles culicifacies* species B (Diptera: Culicidae). *Mitochondrial DNA A DNA Mapp. Seq. Anal.*, 27(4): 2909 –2910.

Huo Y, Liu W, Zhang F, Chen X, Li L, Liu Q, Zhou Y, Wei T, Fang R, Wang X, 2014. Transovarial transmission of a plant virus is mediated by vitellogenin of its insect vector. *PLoS Pathog.*, 10(3): e1003949.

International Aphid Genomics Consortium, 2010. Genome sequence of the pea aphid *Acyrthosiphon pisum*. *PLoS Biol.*, 8(2): e1000313.

Jaber S, Mercier A, Knio K, Brun S, Kambris Z, 2016. Isolation of fungi from dead arthropods and identification of a new mosquito natural pathogen. *Parasit. Vectors*, 9(1): 491.

Jia D, Chen H, Zheng A, Chen Q, Liu Q, Xie L, Wu Z, Wei T, 2012a. Development of an insect vector cell culture and RNA interference system to investigate the functional role of fijivirus replication protein. *J. Virol.*, 86(10): 5800 –5807.

Jia D, Guo N, Chen H, Akita F, Xie L, Omura T, Wei T, 2012b. Assembly of the viroplasm by viralnon-structural protein Pns10 is essential for persistent infection of rice ragged stunt virus in its insect vector. *J. General Virol.*, 93(10): 2299 –2309.

Jia N, Jiang JF, Huo QB, Jiang BG, Cao WC, 2013a. *Rickettsia sibirica* subspecies sibirica BJ-90 as a cause of human disease. *New England J. Med.*, 369(12): 1176 – 1178.

Jia N, Zheng YC, Jiang JF, Ma L, Cao WC, 2013b. Human infection with *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*. *New England J. Med.*, 369(12): 1178 – 1180.

Jia P, Lu L, Chen X, Chen J, Guo L, Yu X, Liu Q, 2016. A climate-driven mechanistic population model of *Aedes albopictus* with diapause. *Parasit. Vectors*, 9(1): 175.

Jia ZR, Liu ZZ, Wang XM, Williams T, Liu PW, Li XC, Yan GY, Chen XG, 2018. Screening of the deltamethrin-resistant strain of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) and its susceptibility to dengue virus. *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 11 – 17. [贾志荣, 刘转转, 王晓明, Williams T, 刘培文, 李小聪, 闫桂云, 陈晓光, 2018. 白纹伊蚊抗溴氰菊酯品系的筛选及其对登革病毒的易感性. 昆虫学报, 61(1): 11 – 17]

Jones KE, Patel NG, Levy MA, Storeygard A, Balk D, Gittleman JL, Daszak P, 2008. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451(7181): 990 – 993.

Li C, Song X, Chen X, Liu X, Sang M, Wu W, Yun X, Hu X, Li B, 2014. Identification and comparative analysis of G protein-coupled receptors in *Pediculushumanus humanus*. *Genomics*, 104(1): 58 – 67.

Li XD, Chen B, 2018. Sequencing and analysis of the complete mitochondrial genome of *Armigeres subalbatus* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 114 – 121. [李旭东, 陈斌, 2018. 骚扰阿蚊线粒体全基因组序列测定和分析. 昆虫学报, 61(1): 114 – 121]

Li Y, Chen S, 2014. Evolutionary history of Ebola virus. *Epidemiol. Infect.*, 142(6): 1138 – 1145.

Liang W, He X, Liu G, Zhang S, Fu S, Wang M, Chen W, He Y, Tao X, Jiang H, 2015. Distribution and phylogenetic analysis of *Culex flavivirusin* mosquitoes in China. *Arch. Virol.*, 160(9): 2259 – 2268.

Liu BQ, Qiao L, He QY, Zhou Y, Ren S, Chen B, 2018. Genome-wide identification, characterization and evolution of cuticular protein genes in the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Insect Sci.*, DOI: 10.1111/1744 – 7917.12483.

Liu JY, Liu Y, Nie KX, Du SY, Qiu JJ, Pang XJ, Wang PH, Cheng G, 2016. Flavivirus NS1 protein in infected host sera enhances viral acquisition by mosquitoes. *Nat. Microbiol.*, 1: 16087.

Liu QY, Wu HX, 2008. 2007 – 2008 of Public Health and Preventive Medicine Development Report – Biological Media. China Science and Technology Press, Beijing. [刘起勇, 吴海霞, 2008. 2007 – 2008 公共卫生与预防医学学科发展报告——媒介生物学. 北京: 中国科学技术出版社]

Liu QY, Wu HX, Liu XJ, 2016. Study on the Development of the 2014 – 2015 Public Health and Preventive Medicine Development Report – Biological Media. China Science and Technology Press, Beijing. [刘起勇, 吴海霞, 刘小波, 2016. 2014 – 2015 公共卫生与预防医学学科发展报告——媒介生物学发展研究. 北京: 中国科学技术出版社]

Liu SS, Colvin J, De Barro PJ, 2012. Species concepts as applied to the whitefly *Bemisia tabaci* systematics: how many species are there? *J. Integr. Agric.*, 11(2): 176 – 186.

Liu Y, Zhang FC, Liu JY, Xiao XP, Zhang SY, Qin CF, Xiang Y, Wang PH, Cheng G, 2014. Transmission-blocking antibodies against mosquito C-type lectins for dengue prevention. *PLoS Pathog.*, 10(2): e1003931.

Liu YQ, Wu H, Chen H, Liu YL, He J, Kang HY, Sun ZG, Pan G, Wang Q, Hu JL, Zhou F, Zhou KN, Zheng XM, Ren YL, Chen LM, Wang YH, Zhao ZG, Lin QB, Wu FQ, Zhang X, Guo XP, Cheng XN, Jiang L, Wu CY, Wang HY, Wan JM, 2015. A gene cluster encoding lectin receptor kinases confers broad-spectrum and durable insect resistance in rice. *Nat. Biotech.*, 33(3): 301 – 305.

Lu QB, Li H, Zhang PH, Cui N, Yang ZD, Fan YD, Cui XM, Hu JG, Guo CT, Zhang XA, 2016. Severe fever with thrombocytopenia syndrome complicated by co-infection with spotted fever group Rickettsiae, China. *Emerg. Infect. Dis.*, 22(11): 1957.

Luo L, Cui F, 2018. Establishment and identification of a new cell line from *Culex pipiens quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 78 – 85. [罗岚, 崔峰, 2018. 一株新的致倦库蚊细胞系的建立与鉴定. 昆虫学报, 61(1): 78 – 85]

Luo QC, Hao YJ, Meng FX, Li TJ, Ding YR, Hua YQ, Chen B, 2016. The mitochondrial genomes of *Culex pipiens pallens* and *Culex tritaeniorhynchus* (Diptera: Culicidae) and comparison analysis with two other *Culex* species. *Parasit. Vectors*, 9: 406.

Ma Y, Wu W, Chen H, Liu Q, Jia D, Mao Q, Chen Q, Wu Z, Wei T, 2013. An insect cell line derived from the small brown planthopper supports replication of rice stripe virus, a tenuivirus. *J. General Virol.*, 94(6): 1421 – 1425.

Ma YJ, Wu J, Ma Y, 2011. Phylogenetic relationships among the species of *Anopheles* Subgenus *Cellia* (Diptera: Culicidae) in China inferred by ITS2 sequences of ribosomal DNA. *Entomotaxonomia*, 33(4): 245 – 256. [马雅军, 吴静, 马颖, 2011. 基于 rDNA-ITS2 序列的中国按蚊属塞蚊亚属部分种类的系统发育研究(双翅目: 蚊科). 昆虫分类学报, 33(4): 245 – 256]

Macdonald G, 1957. The Epidemiology and Control of Malaria. Oxford University Press, London.

Mathers TC, Chen Y, Kaithakottil G, Legeai F, Mugford ST, Baa-Puyoulet P, Bretaudeau A, Clavijo B, Colella S, Collin O, Dalmay T, Derrien T, Feng H, Gabaldón T, Jordan A, Julca I, Kettles GJ, Kowitwanich K, Lavenier D, Lenzi P, Lopez-Gomollon S, Loska D, Mapleson D, Maumus F, Moxon S, Price DRG, Sugio A, van Munster M, Uzest M, Waite D, Jander G, Tagu D, Wilson ACC, van Oosterhout C, Swarbreck D, Hogenhout SA, 2016. A clonally reproducing generalist aphid pest colonises diverse host plants by rapid transcriptional plasticity of duplicated gene clusters. *bioRxiv*, http://dx.doi.org/10.1101/063610.

Mei T, Fu WB, Li B, He ZB, Chen B, 2018. Comparative genomics of chemosensory protein genes (CSPs) in twenty-two mosquito species (Diptera: Culicidae): identification, characterization, and evolution. *PLoS ONE*, 13(1): e0190412.

Miao Y, Zhang TT, Xu BY, Chen B, 2018. Expression, purification

and crystallization of the glutathione-S-transferase E6 (AsGSTE6) from *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 59－67. ［苗娅，张甜甜，许柏英，陈斌，2018. 中华按蚊谷胱甘肽-S-转移酶 E6(AsGSTE6)的表达纯化与结晶. 昆虫学报，61(1): 59－67］

Monaghan AJ, Moore SM, Sampson KM, Beard CB, Eisen RJ, 2015. Climate change influences on the annual onset of Lyme disease in the United States. *Ticks Tick Borne Dis.*, 6(5): 615－622.

MoreiraL A, Iturbe-Ormaetxe I, Jeffery JA, Lu G, Pyke AT, Hedges LM, Rocha BC, Hall-Mendelin S, Day A, Riegler M, 2009. A *Wolbachia* symbiont in *Aedes aegypti* limits infection with dengue, Chikungunya, and Plasmodium. *Cell*, 139(7): 1268－1278.

Morgan K, O'Loughlin SM, Chen B, Linton YM, Thongwat D, Somboon P, Fong MY, Butlin R, Verity R, Prakash A, Htun PT, Hlaing T, Nambanya S, Socheat D, Dinh TH, Walton C, 2011. Comparative phylogeography reveals a shared impact of pleistocene environmental change in shaping genetic diversity within nine *Anopheles* mosquito species across the Indo-Burma biodiversity hotspot. *Mol. Ecol.*, 20: 4533－4549.

Nene V, Wortman JR, Lawson D, Haas B, Kodira C, Tu ZJ, Loftus B, Xi Z, Megy K, Grabherr M, 2007. Genome sequence of *Aedes aegypti*, a major arbovirus vector. *Science*, 316(5832): 1718－1723.

Nicholson S J, Nickerson M L, Dean M, Song Y, Hoyt PR, Rhee H, Kim C, Puterka GJ, 2015. The genome of *Diuraphis noxia*, a global aphid pest of small grains. *BMC Genomics*, 16(1): 429－444.

Pavela R, 2015. Essential oils for the development of eco-friendly mosquito larvicides: a review. *Ind. Crops Prod.*, 76(4): 174－187.

Qiao L, Du MH, Liang X, Hao YJ, He X, Si FL, Mei T, Chen B, 2016. Tyrosine hydroxylase is crucial for maintaining pupal tanning and immunity in *Anopheles sinensis*. *Sci. Rep.*, 6: 29835.

Rozendaal JA, 1997. Vector Control: Methods for Use by Individuals and Communities. World Health Organization, Geneva.

Sang S, Gu S, Bi P, Yang W, Yang Z, Xu L, Yang J, Liu X, Jiang T, Wu H, 2015. Predicting unprecedented dengue outbreak using imported cases and climatic factors in Guangzhou, 2014. *PLoS Negl. Trop. Dis.*, 9(5): e0003808.

Sanggaard KW, Bechsgaard JS, Fang X, Duan J, Dyrlund TF, Gupta V, Jiang X, Cheng L, Fan D, Feng Y, Han L, Huang Z, Wu Z, Liao L, Settepani V, Thøgersen IB, Vanthournout B, Wang T, Zhu Y, Funch P, Enghild JJ, Schauser L, Andersen SU, Villesen P, Schierup MH, Bilde T, Wang J, 2014. Spider genomes provide insight into composition and evolution of venom and silk. *Nat. Commun.*, 5: 3765.

Scott JA, Brogdon WG, Collins FH, 1993. Identification of single specimens of the *Anopheles gambiae* complex by the polymerase chain reaction. *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 49(4): 520－529.

Sgrò CM, Terblanche JS, Hoffmann AA, 2016. What can plasticity contribute to insect responses to climate change? *Ann. Rev. Entomol.*, 61: 433－451.

Shi ZP, Ran YH, Zhang JJ, Zhang J, Yan ZT, Chen B, He ZB, 2018. Binding characteristics of the odorant binding protein AsinOBP1 of *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae) with the mosquito repellent DEET. *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 139－148. ［史宗畔，冉永红，张晶晶，张静，闫振天，陈斌，何正波，2018. 中华按蚊气味结合蛋白 AsinOBP1 与避蚊胺(DEET)的结合特性分析. 昆虫学报，61(1): 139－148］

Song SB, Ai SJ, Guai H, Han Q, 2018. Virtual screening of inhibitors for kynurenine formamidase of *Anopheles gambiae* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 68－77. ［宋帅葆，艾上杰，关怀，韩谦，2018. 冈比亚按蚊犬尿氨酸甲酰胺酶抑制剂的虚拟筛选. 昆虫学报，61(1): 68－77］

Sun L, Fu WB, Yan ZT, Chen B, 2018. Molecular phylogenetic relationships among forty species (subspecies) of the genus *Culex* (Diptera: Culicidae) from China. *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 103－113. ［孙玲，付文博，闫振天，陈斌，2018. 中国库蚊属四十个种(亚种)的分子系统发育关系研究(双翅目：蚊科). 昆虫学报，61(1): 103－113］

Wang G, Li C, Guo X, Xing D, Dong Y, Wang Z, Zhang Y, Liu M, Zheng Z, Zhang H, 2012. Identifying the main mosquito species in China based on DNA barcoding. *PLoS ONE*, 7(10): e47051.

Wang G, Li C, Zheng W, Song F, Guo X, Wu Z, Luo P, Yang Y, He L, Zhao T, 2017. An evaluation of the suitability of COI and COII gene variation for reconstructing the phylogeny of, and identifying cryptic species in anopheline mosquitoes (Diptera Culicidae). *Mitochondrial DNA A DNA Mapp. Seq. Anal.*, 28(5): 769－777.

Wang HY, Wang HY, Fu SH, Liu GF, Liu H, Gao XY, Song LZ, Simon RY, Xu AQ, Liang GD, 2012. Isolation and identification of adistinct strain of *Culex flavivirus* from mosquitoes collected in Mainland China. *Virol. J.*, 9(1): 73.

Wang L, Tang N, Gao X, Chang Z, Zhang L, Zhou G, Guo D, Zeng Z, Li W, Akinyemi IA, Yang H, Wu Q, 2017. Genome sequence of a rice pest, the white-backed planthopper (*Sogatella furcifera*). *GigaScience*, 6(1): 1－9.

Wang TT, Si FL, He ZB, Chen B, 2018. Genome-wide identification, characterization and classification of ionotropic glutamate receptor genes (iGluRs) in the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Parasit. Vectors*, 11: 34.

Wang W, Zhao W, Li J, Luo L, Kang L, Cui F, 2017. The c-Jun N-terminal kinase pathway of a vector insect is activated by virus capsid protein and promotes viral replication. *eLife*, 6: e26591.

Wang YH, Hu Y, Xing LS, Jiang H, Hu SN, Raikhel AS, Zou Z, 2015. Acriticalrole for CLSP2 in the modulation of antifungal immune response in mosquitoes. *PLoS Pathog.*, 11(6): e1004931.

Wang YH, Wang JM, Jiang H, Zou Z, 2013. Research advances on immune mechanism against pathogens in mosquitoes. *Chin. J. Vector Biol. Control*, 24(6): 477－482. ［王燕红，王举梅，江红，邹振，2013. 蚊虫对病原体的免疫机制研究. 中国媒介生物学及控制杂志，24(6): 477－482］

Wang YH, Zheng AH, Liu QY, Kang L, Zou Z, 2017. Advances in research on vector insects. *Chin. J. Appl. Entomol.*, 54(3): 364－371. ［王燕红，郑爱华，刘起勇，康乐，邹振，2017. 虫媒疾病传播媒介的研究进展. 应用昆虫学报，54(3): 364－371］

Wenger JA, Cassone BJ, Legeai F, Johnston JS, Bansal R, Yates AD, Coates BS, Pavinato VAC, Michel A, 2017. Whole genome sequence of the soybean aphid, *Aphis glycines*. *Insect Biochem. Molec. Biol.*, doi. org/10. 1016/j. ibmb. 2017. 01. 005.

Wu J, Ma YJ, Ma Y, 2010. Phylogenetic relationship among the species of *Anopheles* subgenus *Cellia* (Diptera: Culicidae) in China: inferred by mitochondrial and ribosomal DNA sequences. *Acta Entomol. Sin.*, 53(9): 1030–1038. [吴静, 马雅军, 马颖, 2010. 基于 mtDNA 和 rDNA 基因序列的中国按蚊属塞蚊亚属种类的系统发育研究(双翅目: 蚊科). 昆虫学报, 53(9): 1030–1038]

Wu XM, Xu BY, Si FL, Li J, Yan ZT, Yan ZW, He X, Chen B, 2018. Identification of carboxylesterase genes associated with pyrethroid resistance in the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Pest Manag. Sci.*, 74: 159–169.

Xie W, Chen C, Yang Z, Guo L, Yang X, Wang D, Chen M, Huang J, Wen Y, Zeng Y, Liu Y, Xia J, Tian L, Cui H, Wu Q, Wang S, Xu B, Li X, Tan X, Ghanim M, Qiu B, Pan H, Chu D, Delatte H, Maruthi MN, Ge F, Zhou X, Wang X, Wan F, Du Y, Luo C, Yan F, Preisser EL, Jiao X, Coates BS, Zhao J, Gao Q, Xia J, Yin Y, Liu Y, Brown JK, Zhou XJ, Zhang Y, 2017. Genome sequencing of the sweetpotato whitefly *Bemisia tabaci* MED/Q. *GigaScience*, 6(5): 1–7.

Xue J, Zhou X, Zhang C X, Yu LL, Fan HW, Wang Z, Xu HJ, Xi Y, Zhu ZR, Zhou WW, Pan PL, Li BL, Colbourne JK, Noda H, Suetsugu Y, Kobayashi T, Zheng Y, Liu S, Zhang R, Liu Y, Luo YD, Fang DM, Chen Y, Zhan DL, Lv XD, Cai Y, Wang ZB, Huang HJ, Cheng RL, Zhang XC, Lou YH, Yu B, Zhuo JC, Ye YX, Zhang WQ, Shen ZC, Yang HM, Wang J, Wang J, Bao YY, Cheng JA, 2014. Genomes of the rice pest brown planthopper and its endosymbionts reveal complex complementary contributions for host adaptation. *Genome Biol.*, 15(12): 521–539.

Yan ZW, He ZB, Yan ZT, Si FL, Zhou Y, Chen B, 2018. Genome-wide and expression-profiling analyses suggest the main cytochrome P450 genes related to pyrethroid resistance in the malaria vector *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Pest Manag. Sci.*, DOI: 10. 1002/ps. 4879.

Yang QT, Zhao LL, Zou Z, Wang YH, Ma RY, 2018. Peptidoglycan recognition protein AaPGRP-LC is involved in immune responses against bacteria in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 25–35. [杨青泰, 赵莉蔺, 邹振, 王燕红, 马瑞燕, 2018. 肽聚糖识别蛋白 AaPGRP-LC 参与埃及伊蚊的抗细菌免疫反应. 昆虫学报, 61(1): 25–35]

Yin HC, Zhang LJ, Chen B, 2018. Genome-wide identification, characterization and evolutionary analysis of genes of the heme peroxidase family in *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 36–47. [尹华春, 张莉娟, 陈斌, 2018. 中华按蚊血红素过氧化物酶家族基因的全基因组鉴定、特征和进化. 昆虫学报, 61(1): 36–47]

Yu G, Yan GY, Zhang NX, Zhong DB, Wang Y, He ZB, Yan ZT, Fu WB, Yang FL, Chen B, 2013. The *Anopheles* community and the role of *Anopheles minimus* on malaria transmission on the China-Myanmar border. *Parasit. Vectors*, 6: 264.

Zhang J, Liu H, Yang XW, Zhang X, 2018. Screening of plant-derived synergistic agents for mosquito coil based on the bioefficacy against *Culex pipiens pallens* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 94–102. [张洁, 刘辉, 杨晓伟, 张兴, 2018. 基于对淡色库蚊生物活性的植物源蚊香增效剂的筛选. 昆虫学报, 61(1): 94–102]

Zhang TT, Miao Y, Xu BY, Chen B, 2018. Heterologous expression, purification and crystallization of α-carboxylesterase AsAe7 from *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae). *Acta Entomol. Sin.*, 61(1): 48–58. [张甜甜, 苗娅, 许柏英, 陈斌, 2018. 中华按蚊α-羧酸酯酶 AsAe7 的异源表达、纯化与结晶. 昆虫学报, 61(1): 48–58]

Zhao W, Yang P, Kang L, Cui F, 2016a. Different pathogenicities of Rice stripe virus from the insect vector and from viruliferous plants. *New Phytol.*, 210: 196–207.

Zhao W, Lu L, Yang P, Cui N, Kang L, Cui F, 2016b. Organ-specific transcriptome response of the small brown planthopper toward rice stripe virus. *Insect Biochem. Molec. Biol.*, 70: 60–72.

Zheng AH, Zou Z, Shi Y, 2016. Zika virus, an epidemic emerged as a new global threat. *Chin. Sci. Bull.*, 61(22): 2441–2448. [郑爱华, 邹振, 施一, 2016. 寨卡(Zika virus)来袭: 地方性流行病毒的全球化. 科学通报, 61(22): 2441–2448]

Zhong D, Chang XL, Zhou GF, He ZB, Fu FY, Yan ZT, Zhu GD, Xu TL, Bonizzoni M, Wang MH, Cui LW, Zheng B, Chen B, Yan GY, 2013. Relationship between knockdown resistance, metabolic detoxification and organismal resistance to pyrethroids in *Anopheles sinensis*. *PLoS ONE*, 8(2): e55475.

Zhou D, Zhang D, Ding G, Shi L, Hou Q, Ye Y, Xu Y, Zhou H, Xiong C, Li S, 2014. Genome sequence of *Anopheles sinensis* provides insight into genetics basis of mosquito competence for malaria parasites. *BMC Genomics*, 15(1): 42.

Zhu J, Jiang F, Wang X, Yang P, Bao Y, Zhao W, Wang W, Lu H, Wang Q, Cui N, Li J, Chen X, Luo L, Yu J, Kang L, Cui F, 2017. Genome sequence of the small brown planthopper *Laodelphax striatellus*. *GigaScience*, 6(12): 1–12.

Zou Z, Saha TT, Roy S, Shin SW, Backman TW, Girke T, White KP, Raikhel AS, 2013. Juvenile hormone and its receptor, methoprene-tolerant, control the dynamics of mosquitogene expression. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 110(24): E2173–E2181.

Zou Z, Shin SW, Alvarez KS, Kokoza V, Raikhel AS, 2010. Distinct melanization pathways in the mosquito *Aedes aegypti*. *Immunity*, 32(1): 41–53.

Zou Z, Souza-Neto J, Xi Z, Kokoza V, Shin SW, Dimopoulos G, Raikhel A, 2011. Transcriptome analysis of *Aedes aegypti* transgenic mosquitoes with altered immunity. *PLoS Pathog.*, 7(11): e1002394.

(责任编辑: 赵利辉, 马丽萍)